4. JANUAR 2021 VON ILLA

Die Evolution des „Drosten-Tests" zur Ein-Gen-PCR

Urheber des Tests auf COVID-19 mittels Polymerase-Kettenreaktion PCR ist Christian Drosten, der Direktor des Virologischen Instituts der Berliner Charité. Die beiden ersten Test-Protokolle, die im Januar von der Weltgesundheitsorganisation WHO veröffentlicht wurden, hat er persönlich geschrieben und vermutlich war er auch an deren erstaunlich schneller Publikation beteiligt. [1] Der auf diesen Protokollen basierende Artikel in *Eurosurveillance*, dem Publikationsorgan der für Infektionskrankheiten in Europa zuständigem Behörde ECDC, erschien kurz nach den WHO-Protokollen in einem ebenso hohen Tempo, das vermutlich auf Drostens Intervention als Mitherausgeber der Zeitschrift zurückzuführen ist. Dieser Artikel ist so voller methodischer Fehler, dass eine Gruppe von Wissenschaftlern fordert, ihn komplett zurückzuziehen, denn: „Es ist unausweichlich, dass dieser Test eine enorme Anzahl sogenannter ‚Falsch-Positiver' generieren wird." [2] Drosten dagegen sieht das erwartungsgemäß völlig anders:

> „Das Ergebnis einer Labortestung ist immer eine Diagnose, nie ein rohes Testergebnis. Ganz besonders bei positiven Testergebnissen wird immer durch einen Zusatztest bestätigt (zusätzliche Genstelle). Damit wird das Vorkommen von falsch positiven Diagnosen praktisch auf Null unterbunden." [3]

Sobald Menschen ohne Symptome (aka Gesunde) getestet wurden, war die erste Behauptung der Diagnose offensichtlich obsolet. Weniger augenfällig ist bis jetzt, dass auch die zweite Behauptung mit dem Zusatztest nicht stimmt – und Drosten weiß das, denn schließlich hat er selbst dabei mitgewirkt, die Vorgabe für die nachzuweisenden Gene von drei auf eines zu verringern. Die dritte Behauptung mit den falsch-positiven „Diagnosen" war ohnehin nie wahr.

Das Genom von SARS-CoV-2

Das Virus hat ein Genom von etwa 30.000 Nukleotiden und damit die Vorlage für 10 Proteine. Von Belang in diesem Zusammenhang sind folgende Gene und die daraus resultierenden Proteine:

> ORF1 => großes Polyprotein des Replikase-Komplexes, einschließlich des Enzyms RNA-abhängige RNA-Polymerase RdRp
> S => *spike protein* = herausragender Teil der Virushülle, mit dem der Kontakt zur Wirtszelle hergestellt wird
> E => *envelope protein* = Protein der Virushülle
> N => *nucelocapsid protein* = Nukleokapsid-Protein, die Hülle um das Genom [4]

Die gebräuchliche Realtime-PCR vervielfältigt Stellen zwischen zwei Primern (Größe jeweils ca. 18–24 Nukleotide [5]), die an die Nukleinsäure der zu untersuchenden Probe binden, wenn sie genau zu ihr passen. Das zwischen diesen Primerpaaren entstehende Amplikon von ca. 50–150 Nukleotiden [5] ist ein Genabschnitt, der milliardenfach amplifiziert und dadurch nachweisbar werden kann. Von jedem Primerpaar plus Amplikon kann also nur ein sehr kleiner Teil des Genoms erfasst werden. Voraussetzung für einen nützlichen Test ist ein sinnvolles Primerdesign, was sowohl die Anzahl als auch die Lage der gesuchten Genabschnitte auf dem Genom einschließt:

> „Für eine bestätigende Diagnose eines bestimmten Virus müssen mindestens 3 spezifische Primerpaare zum Nachweis von 3 virusspezifischen Genen eingesetzt werden. Vorzugsweise sollten diese Zielgene mit größtmöglichem Abstand im viralen Genom liegen (entgegengesetzte Enden eingeschlossen)." [2]

Je mehr Gene erkannt werden, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass auch das Gesuchte gefunden wurde. Wenn diese erkannten Gene sich über das gesamte Virusgenom verteilen, geht man von einem kompletten Virus aus, das die Voraussetzung für Aktivität ist.

13. Januar: Test auf drei Gene

Auf der Website der WHO wird das erste PCR-Protokoll veröffentlicht, in dem drei Primerpaare für die Amplifikation von Abschnitten auf drei Genen eingesetzt werden: RdRp, E und N. [6]

All assays can use SARS-CoV genomic RNA as positive control. Synthetic control RNA for Wuhan virus will be provided shortly.

First line screening assay: E gene assay
Confirmatory assay: RdRp gene assay
Additional confirmatory assay: N gene assay

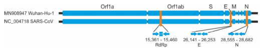


Figure 1 relative positions of amplicon targets on SARS-CoV ad Wuhan-CoV genome. N: nucleocapsid; ORF: open reading frame; RdRp: RNA-dependent RNA polymerase. Numbers below amplicon are genome positions according to SARS-CoV, NC_004718.

Dazu schreiben die Wissenschaftler, die den Widerruf des *Eurosurveillance*-Artikels fordern, der auf diesem und dem folgenden WHO-Protokoll basiert:

CORONA DOKS

Es wimmelt von Infos und fake news in allen Medien.

Hier finden sich veröffentlichte, aber irgendwie wenig sichtbare Informationen.
Nein, keine in der Art:
Verschwörer in der Wall Street oder im Mossad oder beim Bilderberg hätten ein Virus in die Welt gesetzt, um sich diese untertan zu machen.
Keine rassistischen Dummheiten wie die vom "chinesischen Virus".
Keine Behauptungen, wir hätten es gerade mit einem simplen Schnupfen zu tun.

Sondern solche, die helfen, einen kritischen Abstand zu regierungsamtlichen Verlautbarungen zu halten.

Denn erinnern wir uns: Es sind die gleichen Experten und Regierenden, die gestern unser Gesundheitssystem planmäßig (nicht etwa nur fahrlässig) ruiniert haben, die uns jetzt vorschreiben, was richtig und was verboten ist. Und Vorsicht: Die Grundhaltung ist links, auch wenn hier merkwürdige Positionen in der Linken befragt werden.

Übersetzungen aus dem Englischen sind oft holprig, weil mit dem Google Übersetzer (inzwischen deepl.com) vorgenommen.
Zitate aus dem Internet haben als Abrufdatum das des Beitrags.

Über den Button oben kann ein **RSS-Feed** abonniert werden.

Hier kann man die neuesten Beiträge via -**Telegram** erhalten.

Dieser Blog benötigt keine **Spenden**! Trotzdem vielen Dank für die Angebote.

Suche …

KONTAKT

Mail-Link

KATEGORIEN

- !Wichtiges
- Allgemein
- Amüsantes & Makabres
- Dummheiten in linker Presse
- Wie war das noch…
- Wirtschaftliche Interessen

NEUESTE BEITRÄGE

- "Unterlassen Sie das Werfen von Schneebällen"
- Herren-Rennchef: Briten sind schuld
- Freiheit! Berliner sollen Impfstoff wählen können
- Darf man Prof. Brockmann einen Dummschwätzer nennen?
- "Kann ein Spiegel Corona erkennen? Neue Erfindung aus Unterfranken"
- "Die Bayern machen Winterausflüge – trotz Corona"
- Preisfrage: Von welcher Region ist hier die Rede?
- Kreis Mecklenburgische Seenplatte verhängt Einreisesperre. 0,012% "Corona-Tote"
- Der Herr der Fliegen weiß Rat
- Eiertanz oder Rückzugsgefecht?

MEISTGELESENE BEITRÄGE

> „Obwohl in der Corman-Drosten-Arbeit 3 Primer beschrieben werden, decken diese Primer nur etwa die Hälfte des Virusgenoms ab. Dies ist ein weiterer Faktor, der die Spezifität für den Nachweis von intakter COVID-19-Virus-RNA verringert und die Quote der falsch positiven Testergebnisse erhöht.
> Selbst wenn wir also in einer Probe drei positive Signale erhalten (d. h. die drei Primerpaare ergeben drei verschiedene Amplifikationsprodukte), beweist dies nicht das Vorhandensein eines Virus. Ein besseres Primerdesign würde terminale Primer an beiden Enden des viralen Genoms haben. Dies liegt daran, dass das gesamte virale Genom abgedeckt wäre und drei positive Signale besser zwischen einem vollständigen (und damit potentiell infektiösen) Virus und fragmentierten viralen Genomen (ohne infektiöse Potenz) unterscheiden können. Um etwas Signifikantes über die Infektiosität des Virus abzuleiten, hätte das Orf1-Gen, das für das essentielle Replikase-Enzym der SARS-CoV-Viren kodiert, als Target aufgenommen werden müssen […]. Die Positionierung der Targets in der Region des viralen Genoms, die am stärksten und variabelsten transkribiert wird, ist eine weitere Schwäche des Protokolls.“ [2]

Die Bezeichnung „Corman-Drosten-Arbeit“ wurde gewählt, da Victor Corman sowohl bei den beiden WHO-Protokollen als auch beim *Eurosurveillance*-Artikel der erstgenannte Autor ist. Corman ist Leiter der Arbeitsgruppe Virusdiagnostik im Virologischen Institut der Charité, dessen Direktor Drosten ist. [7] Beide gehören zudem zur kommerziellen *Labor Berlin – Charité Vivantes GmbH*: Drosten in seiner Funktion als Institutsdirektor und Corman als Leiter der Speziellen Virusdiagnostik. [8] Dieser Interessenkonflikt wurde *Eurosurveillance* nicht gemeldet. [2]

Während der erstgenannte Autor eines Artikels üblicherweise derjenige ist, der die meisten Arbeiten durchgeführt hat – hier also Corman – wird der Verantwortliche als letzter genannt, das ist im *Eurosurveillance*-Artikel Drosten, der auch die Kontaktperson ist. Bei den beiden WHO-Protokollen ist die Autorenreihung in Bezug auf Drosten etwas anders, aber er ist auch hier die Kontaktperson und hat zudem dieses Protokoll wie auch das folgende selbst geschrieben. [1] Jedes Komma und jeder Fehler sind von ihm, es ist der „Drosten-Test“.

17. Januar: Test auf zwei Gene

Vier Tage nach dem ersten Protokoll wird eine neue Version veröffentlicht [9], in der der Nachweis des N-Gens ohne Begründung fehlt. Im PCR-Arbeitsablauf sind weiterhin das E-Gen sowie zwei Stellen des RdRp-Gens enthalten, womit der Abstand zwischen den Primerpaaren beider Enden noch weiter verringert wird. Wieder wird der grobe „Screening-Test“ vorangestellt und bei positivem Ergebnis folgt der „Bestätigungstest“. Im *Workflow Protocol* ist noch ein „Unterscheidungstest“ angehängt, der für 2019-CoV (jetzt SARS-CoV-2) spezifisch sein soll.

All assays can use SARS-CoV genomic RNA as positive control. Synthetic control RNA for 2019-nCoV E gene assay is available via EVAg. Synthetic control for 2019-nCoV RdRp is expected to be available via EVAg from Jan 21st onward.

First line screening assay: E gene assay
Confirmatory assay: RdRp gene assay

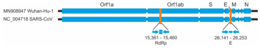


Figure 1 relative positions of amplicon targets on SARS-CoV an 2019-nCoV genome. ORF: open reading frame; RdRp: RNA-dependent RNA polymerase. Numbers below amplicon are genome positions according to SARS-CoV, NC_004718.

Workflow Protocol

1. **First line screening assay**

E assay:

If assay No 1 is positive, continue to assay No 2.

2. **Confirmatory assay**

RdRp assay:

If assay No 2 is positive, continue to assay No 3.

3. **Discrimatory assay**

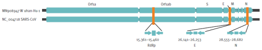
RdRp assay:

Assay No 3 is specific for 2019-nCoV

23. Januar: Test auf zwei Gene

Als eine Melange aus beiden WHO-Protokollen entstand ein Artikel, der in Rekordtempo bei *Eurosurveillance* publiziert wird. [10] Die meisten Graphiken und Tabellen sind zwar die aus dem ersten WHO-Protokoll mit der Anleitung für die Testung auf drei Gene einschließlich des N-Gens, das aber im neuen Protokoll gestrichen wurde: „Für einen routinemäßigen Arbeitsablauf empfehlen wir den E-Gen-Test als ersten Screening-Test, gefolgt von einem Bestätigungstest auf das RdRp-Gen.“ Dazu gab es diese Begründung: „Anzumerken ist, dass der Test auf das N-Gen ebenfalls gute Ergebnisse lieferte, aber nicht einer intensiven weiteren Validierung unterzogen wurde, da er etwas weniger empfindlich war.“ Auch die zweifache RdRp-Testung wurde modifiziert:

> „Für einen routinemäßigen Arbeitsablauf empfehlen wir als ersten Schritt den E-Gen-Test, gefolgt von einem Bestätigungstest mit dem RdRp-Gen-Test. Die Anwendung des RdRp-Gen-Tests mit Zweifarbtechnologie kann 2019-nCoV (beide Sonden positiv) von SARS-CoV-RNA unterscheiden, wenn letztere als Positivkontrolle verwendet wird. Alternativ können sich Labore dafür entscheiden, den RdRp-Test nur mit der 2019-nCoV-spezifischen Sonde durchzuführen.“ [10]



1. Horror-Risikokatalog von BioNTech
2. Impf-Leitfaden von Spahn und RKI fordert zu Rechtsbruch auf
3. Angela Merkel und das Leopoldina-Desaster
4. "Der Coronavirus-Skandal bricht in Merkels Deutschland aus. Falsch positive Ergebnisse und Drosten PCR-Test"
5. Drosten-PCR-Test-Studie: Rückzugsantrag gestellt wegen wissenschaftlicher Fehler und massiver Interessenkonflikte
6. Der „Drosten-Test“: Wie alles anfing
7. Portugiesisches Berufungsgericht hält PCR-Tests für unzuverlässig und hebt Quarantäne auf
8. Betreuender Anwalt: Musterschreiben zu Impfungen in Pflegeheimen
9. Die Evolution des „Drosten-Tests“ zur Ein-Gen-PCR
10. Einrichtung der Diakonie droht Pflegekräften. Oder nicht?

E: envelope protein gene; M: membrane protein gene; N: nucleocapsid protein gene; ORF: open reading frame; RdRp: RNA-dependent RNA polymerase gene; S: spike protein gene.

Numbers below amplicons are genome positions according to SARS-CoV, GenBank NC_004718.

Dazu schreiben die Wissenschaftler, die den Widerruf dieses Artikels fordern:

> „Dies war eine unglückliche Auslassung, da es am besten wäre, alle drei Gen-PCRs als Bestätigungstests zu verwenden, und dies hätte zu einem fast ausreichenden Protokoll für ein Diagnosewerkzeugzum Nachweis von Virus-RNA geführt. […] (Nichtsdestotrotz würde das Protokoll immer noch hinter jeder ‚guten Laborpraxis' zurückbleiben, wenn man alle anderen Design-Fehler mit einbezieht).
> So wie es aussieht, wird der N-Gen-Test leider weder in der WHO-Empfehlung [vom 17.1.] als obligatorischer und entscheidender dritter Bestätigungsschritt vorgeschlagen, noch wird er im Corman-Drosten-Papier als wichtige optionale Absicherung ‚für einen Routine-Arbeitsablauf' hervorgehoben […].
> Infolgedessen wurden in fast allen Testverfahren weltweit lediglich 2 Primer-Treffer statt aller drei verwendet. Dieses Versäumnis macht das gesamte Testprotokoll unbrauchbar, wenn es darum geht, genaue Testergebnisse zu liefern, die in einer laufenden Pandemie wirklich von Bedeutung sind." [2]

2. März: Test auf ein Gen

Der Jahresanfang war für diejenigen, die an Produkten und Dienstleistungen rund um die PCR verdienen, geschäftig. Olfert Landt ist der Inhaber der Berliner Firma *TIB Molbiol* und entwickelt seit fast zwei Jahrzehnten zusammen mit Drosten PCR-Tests auf diverse Viren. Er ist Mitautor sowohl bei den WHO-Protokollen als auch beim *Eurosurveillance*-Artikel (direkt nach Corman), war laut Charité „Von Beginn an" in die Entwicklung des Tests eingebunden, und: „Die Zusammenarbeit erfolgt auf beiden Seiten ausschließlich aus humanitären Gründen." [11] Die daraus entstandenen Testkits vertreibt er gemeinsam mit dem Schweizer Pharmariesen *Roche*, dem er noch länger verbunden ist als Drosten. Im Februar veranstalteten die beiden Unternehmen Werbeveranstaltungen in Westafrika (Dakar) und Südafrika, um die Berliner Testkits an die Afrikaner zu bringen. [12] Und Drosten zeigte sich erfreut über die rosigen Aussichten für das *Labor Berlin*, denn „unsere Kassenärztliche Bundesvereinigung hat schon im Januar eine Abrechnungsziffer eingeführt für diesen Test und damit dafür gesorgt hat, dass die Labore damit Geld verdienen." [13] Auch die WHO wurde wieder tätig.

Laboratory testing for coronavirus disease 2019 (COVID-19) in suspected human cases.

Interim guidance
2 March 2020

World Health Organization

Zum Märzbeginn erscheint eine neue Anleitung für Labors, in denen der Einsatz von NAAT – das sind Tests auf der Basis von Nukleinsäure-Amplifikation, hier konkret die PCR – geregelt wird. [14] Zum einen gibt es die wenig anspruchsvolle „Laborbestätigung von Fällen durch NAAT in Gebieten, in denen keine COVID-19-Viruszirkulation bekannt ist":

> „Ein positives NAAT-Ergebnis für mindestens zwei verschiedene Targets auf dem COVID-19-Virusgenom, von denen mindestens ein Target vorzugsweise spezifisch für das COVID-19-Virus unter Verwendung eines validierten Tests ist (da derzeit keine anderen SARS-ähnlichen Coronaviren in der menschlichen Bevölkerung zirkulieren, kann darüber diskutiert werden, ob es spezifisch für COVID-19 oder SARS-ähnliche Coronaviren sein muss); ODER ein positives NAAT-Ergebnis für das Vorhandensein von Betacoronavirus und COVID-19-Virus, das durch Sequenzierung eines Teils oder des gesamten Genoms des Virus weiter identifiziert wird, solange das Sequenzziel größer oder anders ist als das Amplikon, das im verwendeten NAAT-Test sondiert wurde." [14]

Zum anderen ist ein noch einfacher zu erfüllender „Laborbestätigter Fall durch NAAT in Gebieten mit etablierter COVID-19-Viruszirkulation":

> „In Gebieten, in denen das COVID-19-Virus weit verbreitet ist, könnte ein einfacherer Algorithmus angewandt werden, bei dem z. B. das Screening durch rRT-PCR eines einzigen Unterscheidungstargets als ausreichend angesehen wird." [14]

Dieser Freibrief für die Testung auf nur ein Gen ist unter Mitwirkung mehrerer externer Berater entstanden, zu denen auch Drosten gehörte. Außerdem waren dabei: die Niederländerin Marion Koopmans und die Britin Maria Zambon, beide Mitautorinnen der beiden WHO-Protokolle und des *Eurosurveillance*-Artikels. Zudem wirkten Leo Poon aus Hongkong mit, ein Mitarbeiter von Malik Peiris, der ebenfalls an den WHO-Protokollen beteiligt war und Mitautor des *Eurosurveillance*-Artikel ist, sowie Katrin Leitmeyer vom ECDC, dem Herausgeber von *Eurosurveillance* und schließlich George Gao von der für Infektionskrankheiten in China zuständigen Behörde (China CDC) und Vorstandsmitglied des *Global Preparedness Monitoring Board* der WHO. Das ist eine Art Lenkungsausschuss für die „Corona-Krise", dem u.a. auch Anthony Fauci (ehemaliger und zukünftiger US-Regierungsberater) sowie hochrangige Vertreter des britischen *Wellcome Trust* und der US-amerikanischen *Bill and Melinda Gates Foundation* angehören. [15]

Acknowledgements

The following people contributed to the drafting of the evolving versions of this guidance document: Katrin Leitmeyer, European Center for Disease Control, Maria Zambon, Public Health England, UK; Christian Drosten, Charité - Universitätsmedizin Berlin, Germany; Marion Koopmans, Erasmus MC, Rotterdam, The Netherlands; Leo Poon, Hong Kong University, China, Hong Kong SAR; George Gao, Chinese CDC, China.

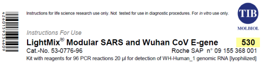
WHO: Karen Nahapetyan, Francis Inbanathan, Dmitriy Pereyaslov, Christine Uhlenhaut, Varja Grabovac, Katelijn Vandemaele, Magdi Samaan, Christian Fuster, Wenqing Zhang, Lisa Stevens, Chris Oxenford, Sebastian Cognat, Kazunobu Kojima, Carmen Dolea, Caroline Brown, Céline Barnadas, Maria Van Kerkhove, Lisa Carter, Mark D Perkins and Karin von Eije

Die Ein-Gen-Praxis

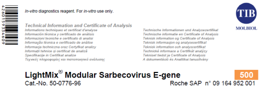
Dass die Testung auf nur ein Gen keine akademische Überlegung ohne konkrete Folgen ist, zeigen Beispiele aus der Praxis. Offenbar wurde diese Vereinfachung zumindest in Deutschland schnell und anhaltend durchgesetzt:

> Labor Augsburg MVZ GmbH im April 2020: „Geändertes Befundlayout der SARS-CoV2 PCR-Ergebnisse […]
> Falls die Probe mit dem Verfahren der Fa. Roche analysiert wurde, haben wir die Messergebnisse für beide Zielsequenzen der PCR (ORF1- und E-Gen) getrennt angegeben. Das ORF1-Gen ist dabei für SARS-CoV-2 spezifisch, während das E-Gen auch in anderen Coronaviren vorkommt. Die Fälle, in denen nur das ORF-Gen amplifiziert wurde, haben wir auch bisher schon positiv bewertet. Wenige Fälle mit isoliert positivem E-Gen wurden als fraglich eingestuft […]. Unter Berücksichtigung der epidemiologischen Situation und der insgesamt gestiegenen Positivenrate folgen wir ab sofort der WHO-Empfehlung und geben ein Ergebnis bereits dann als „positiv“ heraus, wenn nur das E-Gen amplifiziert wurde. […] Ein Ergebnis ist positiv, wenn mindestens eine der beiden Zielsequenzen des SARS-CoV-2 im Abstrichmaterial nachgewiesen wurde.
> Falls die Probe mit Verfahren von rBiopharm oder TibMolbiol analysiert wurde, haben wir bisher getrennte Screening- und Bestätigungstests durchgeführt. Analog zum oben beschrieben Vorgehen beschränken wir uns aufgrund des hohen positiven Vorhersagewerts bei steigender COVID-19-Prävalenz auf den bisherigen Screeningtest, der auf das E-Gen zielt.“ [16]
>
> Bioscientia Healthcare GmbH im Juli 2020: „Nach unseren Erfahrungen beurteilen wir daher auch den isolierten Nachweis eines einzelnen Gens je nach Spezifität als positiv für SARS-CoV-2, empfehlen aber bei unklaren Fällen eine Kontrolle.“ [17]
>
> Diverse im August 2020: „Viele Labore setzen zum Nachweis von SARS-CoV-2 PCR-Verfahren ein, die nur das E-Gen des Virus erkennen. Diese Tests sind kostengünstig und zeichnen sich durch eine hohe Sensitivität aus. Da das E-Gen, welches lediglich die Virushülle codiert, aber nicht spezifisch für SARS-CoV-2 ist, sondern auch andere Coronaviren (Sarbecoviren) erkennt […], wurden früher E-Gen-positive Proben mit einer 2. PCR untersucht, um sicherzustellen, dass es sich wirklich um SARS-CoV-2 handelt. Gesucht wurde in der Bestätigungs-PCR nach spezifischen Genen, wie dem RdRP-Gen, dem S-Gen oder dem ORF1-Gen. Als auf Empfehlung der WHO für endemische Gebiete die Bestätigungstests eingestellt wurden, erfolgte ab April 2020 in vielen kleineren Laboren ein PCR-Nachweis von SARS-CoV-2 nur noch über das E-Gen.“ [18]
>
> SYNLAB Medizinisches Versorgungszentrum Hamburg GmbH im September 2020: „Testen Labore bei positiven Ergebnissen tatsächlich immer doppelt? […] Konkret geantwortet hat Synlab, ein Anbieter, der nach eigenen Angaben aktuell bis zu 80.000 Tests pro Woche durchführt. Synlab schreibt, dass standardmäßig nicht auf mehrere Genstellen getestet wird. Auch werde nicht jedes positive Testergebnis mit einem Zusatztest bestätigt.“ [3]

Man scheint sich unter großzügiger Auslegung der ohnehin großzügigen WHO-Vorgaben vielfach auf das E-Gen festgelegt zu haben – ausgerechnet auf das Gen, das ursprünglich nur im groben Screeing-Test eingesetzt werden sollte, um dann noch überprüft zu werden. Da *TIB Molbiol* in diesem Zusammenhang namentlich genannt wird, sollen deren Testkits als Beispiel dienen – die Firma bietet nämlich sogar zwei davon an. Zum einen gibt es das Testkit auf das „SARS- und Wuhan-CoV E-Gen“ aus dem Januar, das auch auf „andere Fledermaus-assoziierte SARS-verwandte Viren (Sarbecoviren)“ reagiert. Allerdings ist dieser Test nicht für die Patienten-Diagnose zugelassen, sondern darf „nur für den Forschungsgebrauch“ (RUO) verwendet werden. [19]



Dann gibt es ein Testkit auf das „Sarbecovirus-E-Gen“ mit CE-Kennzeichnung aus dem Februar, womit es für die Diagnose für Patienten verwendet werden darf. [20]



Da die diagnostische Spezifität beider Testkits unklar ist, ist der Anteil falsch-positiver Ergebnisse bei ihrer Anwendung unbekannt. Wie hoch dieser Anteil sein kann und wie sehr die Ergebnisse nicht nur zwischen Herstellern divergieren können, sondern auch zwischen einzelnen Chargen des gleichen Herstellers, zeigt die folgende Tabelle. Getestet wurden beim Friedrich-Löffler-Institut (Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit) Negativ-Proben entweder aus menschlichem Rachenabstrich, Abstriche aus Nase oder Maul bei Rindern sowie Wasser oder Pufferlösung. Die Ergebnisse variieren zwischen 0% und 100% falsch-positiven Ergebnissen (meine Markierungen in der Tabelle für Werte unter 100%). Als Ursache wurden in diesem Fall verunreinigte Primer ausgemacht, die nur eine Möglichkeit für falsch-Positive darstellen und „es erscheint zwingend erforderlich, jede Chargen von Reagenzien vor dem Einsatz in der Routinediagnostik ausgiebig zu testen.“ [21] Und das ist nur eine von vielen Ursachen für Kontaminationen bei der PCR mit dem Ergebnis falsch-positiver Resultate.

Table 1: RNA preparations from SARS-CoV-2 negative human throat swabs, bovine nasal or oral swabs and further negative controls (phosphate buffered saline (PBS) or nuclease-free water) were tested by different batches of the identical in-house primers and probe (Corman et al., 2020). The primers/probe sets are named according to the company at which they were synthetized, the delivery dates are given in brackets. When several sets were ordered at the same supplier, they are consecutively numbered. The mean quantification cycle values (Cq) including standard deviations for the false positive results are given in brackets.

sample material	supplier A-1 (March 25) nCoV_IP4 no. tested/ pos. (Cq†)	supplier A-1 (March 25) E-Sarbeco no. tested/ pos. (Cq)	supplier A-2 (April 07) E-Sarbeco no. tested/ pos. (Cq)	supplier A-3 (May 07) E-Sarbeco no. tested/ pos. (Cq)	supplier B (April 02) E-Sarbeco no. tested/ pos. (Cq)	supplier C-1 (April 15) E-Sarbeco no. tested/ pos. (Cq)	supplier C-2 (April 24) E-Sarbeco no. tested/ pos. (Cq)	supplier D (March 27) E-Sarbeco no. tested/ pos. (Cq)
throat swab, human	41/0	41/0	41/3 (38.5±0.4)	41/1 (38.5)	41/1 (40.9)	n.d.§	n.d.	n.d.
nasal or oral swab, cattle	47/0	47/0	47/8 (38.6±0.4)	47/3 (39.4±0.9)	47/3 (37.6±0.3)	n.d.	n.d.	n.d.
PBS‡ or water	10/0	10/0	27/2 (38.4±0.3)	27/1 (41.2)	29/3 (39.3±0.9)	6/6 (17.5±0.1)	7/7 (22.4±0.2)	4/4 (30.8±0.1)

Table footnotes: ‡ PBS - phosphate buffered saline, † Cq - quantification cycle value, § n.d. - not done.

Im bayrischen Großlabor MVZ, das schon im April 2020 die Reduktion auf ein Zielgen bekanntgegeben hatte (was mittlerweile von der Website entfernt wurde), könnte etwas Ähnliches passiert sein: „Dort hätten sich 58 von 60 positiven Tests als falsch herausgestellt. Die Geschäftsführerin des Augsburger MVZ-Labors erklärte die Fehler mit der Knappheit an Reagenzien. Das Labor habe wegen des Lieferausfalls eines Herstellers auf ein anderes Nachweismittel zurückgreifen müssen, das offenbar nicht kompatibel gewesen sei.“ [22] Ja, mei!

Der „Standard-Diagnostikfall“ ist kein „wichtiger Befund“

Was sagt nun derjenige, der den Test entwickelt, publiziert, modifiziert hat? In seinem Podcast beim NDR ging es im Mai um einen wissenschaftlicher Artikel mit der Aussage, das Virus sei in Frankreich schon früher unterwegs gewesen als bislang angenommen. Drosten bemängelte die fehlende Überprüfung des positiven PCR-Ergebnisses:

> „‚Ein PCR-Test, das muss man sich klarmachen, ist erst mal als zweifelhaft zu betrachten, so lange der nicht durch weitere PCR-Teste, die das Virus in anderen Zielregionen des Genoms nachweisen, bestätigt ist. Gerade in so einem wichtigen Befund, wenn das kein normaler Routinebetrieb ist im Labor, wo man einfach nur wissen will, das ist ein Standard-Diagnostikfall: Ist der jetzt positiv oder negativ? Da kann man schon mal sagen: PCR ist positiv. Wir sehen den Patienten als infiziert an.‘
> Korinna Hennig: ‚Im normalen Alltag.‘
> Christian Drosten: ‚Richtig. Aber in einem Fall wie hier, wo man sagt, wir schreiben die Infektionsgeschehen dieser Krankheit um und sagen: In Wirklichkeit gab es das in Frankreich und dann ja wahrscheinlich auch überall sonst auf der Welt schon einen Monat früher oder sogar noch länger. Und irgendwas ist da vielleicht verschwiegen oder nicht bemerkt worden. Wenn man so einen gewichtigen Befund publizieren will, muss man den auch absichern. Dazu würde gehören, zusätzlich zu einer zweiten oder dritten Bestätigungs-PCR, auch das Virus zu sequenzieren, also die gesamte Genomsequenz des Virus zu bestimmen. Das kann man, wenn die PCRs positiv werden. Das ist technisch heutzutage sehr einfach.‘“ [13]

Für Drosten gibt es den „wichtigen Befund“, und wenn man den als ehrgeiziger Wissenschaftler „publizieren will“, dann „muss man den auch absichern“, was dadurch geschieht, „zusätzlich zu einer zweiten oder dritten Bestätigungs-PCR, auch das Virus zu sequenzieren“: dreimal PCR plus Sequenzierung, denn ein PCR-Test „ist erst mal als zweifelhaft zu betrachten, so lange der nicht durch weitere PCR-Teste, die das Virus in anderen Zielregionen des Genoms nachweisen, bestätigt ist.“ Mindestens.

Und dann gibt es den „Routinebetrieb“, nämlich die Untersuchung von Menschen, „wo man einfach nur wissen will, das ist ein Standard-Diagnostikfall: Ist der jetzt positiv oder negativ? Da kann man schon mal sagen: PCR ist positiv.“ Für reale Menschen reicht dann offenbar auch eine einzige PCR, so wie er es bei der WHO mitbeschlossen hat – auch wenn die eigentlich „als zweifelhaft zu betrachten“ ist, wie er sehr wohl weiß.

Reale Menschen interessieren ihn einfach nicht, unseren Regierungsberater. Entsprechend sind die Ratschläge. Und die Folgen.

Hervorhebungen in blau von mir

[1] Der „Drosten-Test“: Wie alles anfing
https://www.corodok.de/der-drosten-test/

[2] Pieter Borger et al.: Review report Corman-Drosten et al. Eurosurveillance 2020 (27.11.2020)
https://cormandrostenreview.com/report/

[3] Falsch positive Ergebnisse bei ausgeweiteten Corona-Tests? (Hamburger Abendblatt 2.9.2020)
https://www.abendblatt.de/ratgeber/wissen/article230318584/Falsch-positive-Ergebnisse-bei-ausgeweiteten-Corona-Tests.html

[4] https://de.wikipedia.org/wiki/SARS-CoV-2

[5] Real-time PCR handbook (life technologies / Thermo Fisher Scientific)
https://www.thermofisher.com/content/dam/LifeTech/global/Forms/PDF/real-time-pcr-handbook.pdf

[6] Victor Corman et al.: Diagnostic detection of Wuhan coronavirus 2019 by real-time RT-PCR-Protocol and preliminary evaluation as of Jan 13, 2020-
https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/wuhan-virus-assay-v1991527e5122341d99287a1b17c111902.pdf

[7] https://virologie-ccm.charite.de/ueber_das_institut/team/

[8] https://www.laborberlin.com/fachbereiche/virologie/

[9] Victor Corman et al.: Diagnostic detection of 2019-nCoV by real-time RT-PCR-Protocol and preliminary evaluation as of Jan 17, 2020-
https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/protocol-v2-1.pdf

[10] Victor Corman et al.: Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR (Eurosurveillance 23.1.2020)
https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560–7917.ES.2020.25.3.2000045

[11] Charité räumt Begünstigung von TIB Molbiol von Olfert Landt ein
https://www.corodok.de/charite-beguenstigung-tib/

[12] Entwicklungshilfe für Test-Hersteller
https://www.corodok.de/entwicklungshilfe-test-hersteller/

[13] https://www.ndr.de/nachrichten/info/coronaskript174.pdf

[14] Laboratory testing for coronavirus disease 2019 (COVID-19) in suspected human cases. Interim guidance 2 March 2020
https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/331329/WHO-COVID-19-laboratory-2020.4-eng.pdf?sequence=1&isAllowed=y

[15] https://apps.who.int/gpmb/board.html

[16] Geändertes Befundlayout der SARS-CoV2 PCR-Ergebnisse (Labor Augsburg MVZ GmbH 3.4.2020)
https://web.archive.org/web/20200509151946/https://labor-augsburg-mvz.de/de/aktuelles/geaendertes-befundlayout-der-sars-cov2-pcr-ergebnisse

[17] Was bedeuten die Begriffe Dual-Target-PCR und Ct-Wert? (Bioscientia Healthcare GmbH 15.7.2020)
https://www.bioscientia.de/home/aktuelles/2020/07/was-bedeuten-die-begriffe-dual-target-pcr-und-ct-wert

[18] SARS-CoV-2 / COVID-19 Teil 3 (biovis Diagnostik 08/2020)
https://www.biovis-diagnostik.eu/wp-content/uploads/Biovis_SARS-CoV-2_Teil3_DE.pdf

[17]
https://web.archive.org/web/20200327234500/https://www.roche-as.es/lm_pdf/MDx_53-0776_96_Wuhan-E-gene_V200111_09155368001.pdf

[19] https://www.roche-as.es/lm_pdf/MDx_50-0776–96_Sarbecovirus-E-gene_RV_V200204_09164952001_CE-IVD.pdf

[21] Kerstin Wernicke et al.: Pitfalls in SARS-CoV-2 PCR diagnostic (Transboundary and Emerging Diseases Juni 2020)
https://www.researchgate.net/publication/342174242_Pitfalls_in_SARS-CoV-2_PCR_diagnostics

[22] Zeitung – Probleme in Labor bringen falsche Corona-Testergebnisse (Reuters 28.10.2020)
https://de.reuters.com/article/virus-deutschland-tests-idDEKBN27D0MY

ALLGEMEIN

DROSTEN, LABOR BERLIN, LANDT, PCR, PODCAST, TESTS, TIB-MOLBIOL, WHO

51 Antworten auf „Die Evolution des „Drosten-Tests“ zur Ein-Gen-PCR“

mensing

4. JANUAR 2021 UM 15:03 UHR

Danke für diese ausführliche Zusammenstellung. Mir fällt mal wieder die Kinnlade herunter …
Wie kann es sein, dass immer noch so viele Menschen Anhänger der „Corona-Kirche“ sind?
Wer nichts weiß, muss glauben.

Antworten

Maik

4. JANUAR 2021 UM 15:20 UHR

Ein Hinweis dazu von mir auf das Laborjournal mit einem Interview mit Olfert Landt.
Zitat:
Die ersten Kits enthielten alle drei Primer-Systeme, die neuen nur noch Primer für das E-Gen,
den der Ansatz ist der sensitiviste

Siehe Seite 43
http://www.laborjournal-archiv.de/epaper/LJ_20_04/43/

-> Schlußfolgerung: Da passiert einiges mit Absicht!

Antworten

Möpkenbrot

4. JANUAR 2021 UM 15:43 UHR

Schönes neues Jahr und Chapeau für die wirklich erhellende Arbeit! Wir dürfen gespannt sein, wann Eurosurveillance auf den Report von Borger et al. antwortet. Gut Ding will Weile haben.
Steht denn eigentlich in einem positiven Testergebnis, welches Verfahren genau das Labor angewendet hat?

Antworten

Martin F.

4. JANUAR 2021 UM 16:32 UHR

Mir liegt ein Testergebnis von jemandem vor. Ist vom Dezember.
Dort steht sowohl auf welche Gene getestet wurde, als auch der CT-Wert.
Im vorliegenden Fall wurde auf N und E-Gen getestet mit CT-Wert 35.
Immerhin auf zwei Gene, allerdings mit je 35 Zyklen.

Ob das bei uns in der Gegend Standard ist, weiß ich nicht. Das auswertende Labor liegt einige hundert Kilometer entfernt vom Wohnort des Getesteten.

Und ja, auf dem einseitigen Testbericht des Labors steht auch drauf, welches Testkit verwendet wurde.

Antworten

gelegentlich

4. JANUAR 2021 UM 16:34 UHR

Nein. Bzw. das genaue Testergebnis verbleibt offenbar beim Labor. Beim Gesundheitsamt kommt nur an dass der Test positiv, oder eben negativ, ausgefallen ist. Unlängst wurde hier ein Originalbericht eines Labor veröffentlicht:
– Hersteller des Tests
– E-Gen
– Zyklenzahl 36
Positiv
Das heißt die Details kennt, was die Öffentlichkeit angeht, niemand. Ob andere Coronaviren gefunden worden ist auch nicht klar. Der Test ist ja nicht validiert, nur „validiert" und eine systematische Studie darüber welche Coronaviren in Deutschland verbreitet sind gibt es nach meinem Wissen nicht. Das hier Beschriebene war schon im Mai bekannt und wird bis heute von Zeugen Coronas heftigst bestritten.
Mit anderen Worten: durch die Erhöhung der Zahl der Tests kann das RKI jederzeit die politisch benötigten Zahlen „herstellen" lassen.
Ein einfacher Zug wäre Tests nur auf das E-Gen einfach zurückzuweisen. Geht aber nicht. Die Reichweite haben wir nicht. Damit käme man nicht durch. Zweifel am Pfusch lautstark und überall zu säen ist die einzige Möglichkeit die bleibt.

Antworten

Michael
4. JANUAR 2021 UM 15:48 UHR

Grandioser Artikel! Da stellt sich für mich als Laie die naive Frage: Schließt die Nicht-Spezifität des E-Gens möglicherweise auch Influenza-Fragmente ein?

Antworten

B.M.Bürger
4. JANUAR 2021 UM 20:02 UHR

E-Gen heißt ganz einfach du hast irgendein
Corona Virus.
Kann auch ein Schnupfen sein.
Von Mai 2019
https://virologyj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12985-019-1182-0

Das erklärt auch die unglaubliche Variabilität der Verläufe von nix mit positivem Test zu Lungenentzündung mit positivem Test.
https://de.wikipedia.org/wiki/Coronaviridae
"Beim Menschen sind sieben Arten von Coronaviren als Erreger von leichten respiratorischen Infektionen (Erkältung / Grippaler Infekt) bis hin zum sog. Schweren akuten Atemwegssyndrom (SARS, Severe acute respiratory syndrome) von Bedeutung. "

Von 2006
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16820226/
"The SARS-CoV genome is nearly 30 kb in length and contains 14 potential open reading frames (ORFs). Some of these ORFs encode for genes that are homologous to proteins found in all known coronaviruses, namely the replicase genes (ORFs 1a and 1b) and the four structural proteins: nucleocapsid, spike, membrane and envelope, and these proteins are expected to be essential for the replication of the virus. The remaining eight ORFs encodes for accessory proteins, varying in length from 39 to 274 amino acids, which are unique to SARS-CoV. "
Übersetzung: Die vier strukturellen Proteine N, S, M und E entsprechen Proteinen, die in allen Coronaviren vorhanden sind.
Das heißt, auch bei Tests auf N und E heißt das positive Ergebnis einfach: irgendein Coronavirus.

Ja, es ist offensichtlicher Betrug. Nur: Wenn ich das so mal eben mit Google herausfinde, dann wissen das sehr viele Leute. Mindestens jedes Labor, das nur auf das E-Gen testet. Eigentlich jedes Gesundheitsamt. Und das Robert-Koch-Institut. Das heißt, da nehmen sich ganz viele Leute aus der Schusslinie.

Antworten

Markus
4. JANUAR 2021 UM 16:51 UHR

Das Problem sind nicht die PCR-Tests, sondern die vollen Intensivstationen.
Die Belegung der Intensivstationen folgt den positiven PCR-Tests. Das zeigt, dass das idR echte SARS-CoV-2 Infektionen sind.

https://de.statista.com/statistik/daten/studie/1181959/umfrage/intensivmedizinische-behandlungen-von-corona-patienten-in-deutschland/

Antworten

aa
4. JANUAR 2021 UM 17:10 UHR

@Markus: Diese Statistik besagt, wieviele Menschen auf Intensivbetten liegen, die positiv getestet wurden, nicht woran sie leiden. Gut 20% der Intensivbetten sind mit "Covid-19"-PatientInnen belegt. Was sagt das alles über die Qualität des PCR-Tests aus? Gar nichts.

Antworten

Markus
4. JANUAR 2021 UM 17:36 UHR

@aa
Auf einer Intensivstation hat man genau im Blick, woran die Patienten leiden. Das machen die Ärzte nicht nur am PCR-Test fest. Die gucken natürlich auch, ob die Symptome zu Covid19 passen.

Antworten

Chrissie
4. JANUAR 2021 UM 18:30 UHR

@Markus Es gibt keine spezifischen covid19 Symptome. Sind identisch mit Influenza.

Antworten

Tim
4. JANUAR 2021 UM 19:47 UHR

@Markaus Du solltest dich mal mit dem Moerser Modell von Dr. Voshaar auseinandersetzen. Statt der Todesrate bei mindestens 50% der Intubierten hat seine Behandlungsmethode eine Todesrate von 5,5%. Selbst Spahn weiß davon, da er in Moers war. Und diese Behandlungsmethode ist keine, die auf der Intensivstation stattfindet. Hier werden nicht wie bei der Intubation 5 Pflegekraefte pro Patient benoetigt. Ich frage mich wirklich, warum die Standardtherapie immer noch Intubation heißt, nach alldem, was man bisher an Erfahrung haette sammeln sollen. Wenn man Boeses denkt, dann sieht es nach gezieltem Todintubieren und aus oben genannten Gruenden nach provoziertem Fachkraeftemangel aus. Ich moechte aber nicht Boeses denken. Außerdem gibt es vielversprechende Therapien mit Medikamenten. Habe nun auch schon von verschiedenen Personen, die im klinischen Bereich taetig sind, gehoert, dass Intubieren ab einer Sauerstoffsaettigung von 90% zu frueh ist. Das wird bei Menschen mit positiven PCR Test jedoch laut therapeutischer Richtlinie so gemacht. Warum?

gelegentlich

4. JANUAR 2021 UM 17:34 UHR

Doch, in dieser Situation sind die Pfusch-PCR-Tests ein Riesenproblem. Man weiß eben nicht ob es echte CoV-2-Infektionen sind wenn nur das E-Gen getestet wird. Bei einerZyklenzahl von 36 ist das Ergebnis eh wertlos resp. muss 2 Tage später wiederholt werden um verwendbar zu sein.
Wenn 30% der Tests falsch-positiv sind dann sind schon mal 30% der Leute unnötig im Krankenhaus. Und bei den anderen ist ein Unterschied ob die bei 12 Zyklen positiv sind oder bei 22. Für die Diagnose und für die Behandlung.
Das, was für die politische Steuerung so charmant ist, beschädigt die medizinische Bearbeitung der Problemfälle massiv.
Bei einer Nicht-CoV-2-Erkältung haben die Leute ohnehin erst mal nichts im Krankenhaus verloren.

Antworten

Markus

4. JANUAR 2021 UM 18:05 UHR

@gelegentlich
Wegen einem positiven PCR-Test allein kommt man nicht ins Krankenhaus und erst recht nicht auf die Intensivstation.

Antworten

Udo

4. JANUAR 2021 UM 18:27 UHR

Markus, wieso verplempern Sie hier eigentlich ihre Zeit. Man hat Ihnen doch schon ein sehr lukratives Angebot gemacht, sollten Sie tatsächlich Sars Cov 2 nachweisen können. Na gut, 80.000 Euro sind für Sie vielleicht nicht viel, aber Sie könnten es ja spenden..z.B an die derzeit völlig vergessenen und verhungernden Menschen in der dritten Welt!

Antworten

some1

4. JANUAR 2021 UM 18:27 UHR

@Markus
Gunnar Jeschke kommt zu dem Schluss, dass Ihre Aussage, die Belegung FOLGE den Testzahlen, nicht korrekt ist.
1. Für Deutschland bleibt die Belegung übers Jahr stabil, lediglich ersetzt Corona anscheinend frühere Diagnosen. Woher wissen die früheren Krankheiten, das sie nun für Covid Platz machen müssen?
https://www.freitag.de/autoren/gunnar-jeschke/magischer-abfall-von-nicht-covid-erkrankungen-1
2. Für die Schweiz stellt er den erstaunlichen Umstand fest, dass der Anstieg gleichzeitig mit den Positivtests erfolgt, also ohne Zeitverzögerung. Was auch immer der Grund ist, es zeigt, dass die Tests keine Prognose für den Bettenbedarf ermöglichen.
https://www.freitag.de/autoren/gunnar-jeschke/zeitdauer-zwischen-test-und-hospitalisierung

Haben Sie für beides eine Erklärung?

Antworten

gelegentlich

4. JANUAR 2021 UM 18:33 UHR

@Markus
„Wegen einem positiven PCR-Test allein kommt man nicht ins Krankenhaus und erst recht nicht auf die Intensivstation."
Natürlich nicht. Aber wenn einer positiv getestet ist und bei Nichtvorliegen dieser nötigen Details dazu steht ein Mensch mehr unnötig irgendwo auf dem Gang. Vom sinnlos vergeudeten Nervenschmalz abgesehen. Und von der veschwendeten Zeit irgendeines Arztes abgesehen. Wie soll der die Diagnose stellen ohne diese Einzelheiten zu kennen? – Das ist ein verdammt hoher Preis den wir alle für diese absichtlich eingerichtete politisch gewünschte Intransparenz zahlen müssen.

Antworten

Udo

4. JANUAR 2021 UM 17:50 UHR

Ach Markus D.rosten wieder hier. Schauen Sie sich mal das Video von Paul Schreyer auf YouTube an..SIE werden verlieren Markus oder doch Christian oder Klausi?

Antworten

Chrissie

4. JANUAR 2021 UM 18:29 UHR

@Markus Die Intensivstationen sind nicht voller als sonst auch um diese Jahreszeit.

Antworten

B.M.Bürger

4. JANUAR 2021 UM 20:04 UHR

Schon mal was von Grippe-Saison gehört? Wo ist die Influenza dieses Jahr, die sonst immer die Intensivstationen füllt?

Antworten

Maik

5. JANUAR 2021 UM 0:41 UHR

Ganz einfach: Zuerst wird mal ein SARS-COV2 PCR-Test gemacht(möglichst dann ein E-Gen Test)
Dann sind sie ein COVID-19 Fall. Diagnose für den Arzt abgeschlossen.
Keiner schaut sie mehr genau an. Sie sind ja jetzt hochgefährlich und infektiös!. Der Arzt hat Angst vor ihnen! Auf Influenza testet dann keiner mehr!

Antworten

Ingrid Schmidt

4. JANUAR 2021 UM 16:58 UHR

Mir ist nur noch schlecht.

Antworten

Henning

4. JANUAR 2021 UM 17:23 UHR

"Humanitäre Gründe" – das ist verräterisch. Der Kosovokrieg, der erste Angriffskrieg von Deutschland nach dem zweiten Weltkrieg, wurde auch mit der Verhinderung einer humanitären Katastrophe begründet.

Antworten

AB

4. JANUAR 2021 UM 17:41 UHR

Herzlichen Dank an Illa für einen weiteren, wichtigen Beitrag zur Corona-Chronologie!

Es freut mich, dass in dem Kontext auch mal
George Gao erwähnt wird, der wohl keine ganz unbedeutende Rolle bei dem Ganzen spielt.

Deshalb möchte ich bei dieser Gelegenheit kurz ergänzend darauf hinweisen, dass er nicht nur einer der Senior-Autoren der (meines Wissens) ersten wissenschaftlichen Publikation zu "Sars-CoV-2" ist
(https://www.nejm.org/doi/10.1056/NEJMoa2001017), sondern gleichzeitig überall auf der Welt extrem gut vernetzt zu sein scheint, wie man dieser Kurzbiografie entnehmen kann: https://www.ias.cityu.edu.hk/en/profile/id=43.

Auch er hat an Event 201 teilgenommen und auch bei ihm ist es wohl nicht ganz so leicht die Dissertation einzusehen – wobei diese Annahme bloß darauf basiert, dass seine Doktorarbeit (bislang konnte ich nur ein einziges Exemplar finden) sich zwar offiziell in der Radcliffe Science Library (in Oxford) befindet, aber archiviert ("closed stack") ist
und nicht auf dem Bibliotheksgelände ("stored offsite") aufbewahrt wird.

(Siehe hier: http://solo.bodleian.ox.ac.uk/primo-explore/fulldisplay?docid=oxfaleph015438678&context=L&vid=SOLO&lang=en_US&search_scope=LSCOP_ALL&adaptor=Local%20Search%20Engine&tab=local&query=any,contains,George%20Gao&facet=searchcreationdate,include,1600%7C,%7C1996&offset=0)

Antworten

some1

4. JANUAR 2021 UM 18:30 UHR

Erstaunlich. Gao ist ein Kollege von Wieler: er ist ebenfalls Tiermediziner. Was die alles können … learning by doing?

Antworten

D.D.

4. JANUAR 2021 UM 18:07 UHR

@ Markus: Fehlanreiz für die "Umetikettierung" von Grippe- Intensivpatienten in Covid19- Patienten:
100€ pro Tag +Patient *Mehreinnahmen* für die Klinik!

Mit allen Mitteln will man verhindern, dass die Wahrheit doch noch rauskommt! Sonst würde das ganze Kartenhaus zusammenkrachen. Die Covidioten würden am Ende recht behalten; das wäre die blamable Katastrophe und das Ende der Regierung!
Darum wurde erst gar nicht erwogen, eine repräsentative Studie zu beauftragen (– wie es Streek und weitere Wissenschaftler forderten) oder Studienergebnisse aus anderen Ländern einfließen zu lassen.
Statt Bemühungen um mehr Evidenz schießt man lieber mit immer noch größeren Kanonen (Lockdowns) auf Spatzen. Sogar die WHO warnt jetzt vor weiteren Lockdowns, da die gesundheitlichen und wirtschaftlichen Kollateralschäden größer zu werden drohen, als die Schäden durch das Virus selbst!
Dessen ungerührt diffamiert und zensiert man unentwegt seine Kritiker und zaubert weitere kumulative und absolute Panikzahlen als "Totschlag-Argumente" aus dem Hut.

Antworten

Felix Bronkhorst

4. JANUAR 2021 UM 18:09 UHR

»Die Geschäftsführerin des Augsburger MVZ-Labors erklärte die Fehler mit der Knappheit an Reagenzien. Das Labor habe wegen des Lieferausfalls eines Herstellers auf ein anderes Nachweismittel zurückgreifen müssen, das offenbar nicht kompatibel gewesen sei.«
Ich finde, das sollte jemand der sich auskennt zumindest mal auf Notlüge überprüfen. Klingt irgendwie verdächtig …

Antworten

Roseberry

4. JANUAR 2021 UM 18:30 UHR

Danke, Illa!
Es macht mich betroffen und traurig.
Die beteiligten Personen kompromittieren die Wissenschaft und verhöhnen die fleißigen, ehrlichen deutschen BürgerInnen und ihr Lebenswerk.
Welcher ehrliche Mediziner an exponierter Stelle sagt nun öffentlich, dass die Testerei schiefgelaufen ist?

Antworten

Ernst Stössel

4. JANUAR 2021 UM 19:14 UHR

Aus: Biovis SARS-CoV-2 / COVID-19 Teil 3:
In den letzten Monaten kam es immer wieder zu Berichten, die Zweifel an der Spezifität der SARS-CoV-2-PCR aufkommen ließen . Es wurden Personen positiv auf das Virus getestet, ohne dass Symptome vorlagen. Durch örtliche Gesundheitsämter angeregte Nachtestungen ergaben einen negativen Befund. Wie kam diese Diskrepanz zustande? Viele Labore setzen zum Nachweis von SARS-CoV-2 PCR-Verfahren ein, die nur das E-Gen des Virus erkennen. Diese Tests sind kostengünstig und zeichnen sich durch eine hohe Sensitivität aus. Da das E-Gen, welches lediglich die Virushülle codiert, aber nicht spezifisch für SARS-CoV-2 ist, sondern auch andere Coronaviren (Sarbecoviren) erkennt , wurden früher E-Gen-positive Proben mit einer 2. PCR untersucht, um sicherzustellen, dass es sich wirklich um SARS-CoV-2 handelt. Gesucht wurde in der Bestätigungs-PCR nach spezifischen Genen, wie dem RdRPGen, dem S-Gen oder dem ORF1-Gen. Als auf Empfehlung der WHO für endemische Gebiete die Bestätigungstests eingestellt wurden, erfolgte ab April 2020 in vielen kleineren Laboren ein PCR-Nachweis von SARS-CoV-2 nur noch über das E-Gen.…

Bei PCR-Tests ist es nicht nur wichtig zu wissen, ob SARS-CoV-2 nachgewiesen werden konnte oder nicht, es ist auch wichtig zu erfahren, wie viele Viren gefunden wurden. Aufschluss darüber gibt der sogenannte CT-Wert, die Zahl an Amplifikationszyklen, die erforderlich ist, um das Virus nachweisbar zu machen. Bei Patienten mit einer sehr hohen Viruslast finden sich CT-Werte unter 20. Mittlere CT-Werte von 25 lassen auf das Vorhandensein von etwa 100.000 Viren/ml schließen. Bei CT-Werten von 30 sind es gerade einmal 100. Liegen die CT-Werte über 33 oder 34 sind es weniger als 20 Viren/ml. Eine Anzucht der Erreger gelingt in diesen Fällen kaum noch. Aufgrund der geringen Viruslast, sind die Patienten daher nicht mehr infektiös…

Das PCR-Verfahren ist ein sehr sensitives und wertvolles Instrument zum Nachweis von SARS-CoV-2, allerdings nur dann, wenn die oben genannten Kriterien tatsächlich Berücksichtigung finden. Im Herbst beginnt die Grippesaison aufs Neue und damit die Zeit der respiratorischen Erreger, wie u. a. Influenza- und Corona-Viren . Millionen Menschen werden grippale Symptome zeigen, viele von Ihnen werden sich auf SARS-CoV-2 untersuchen lassen aus Angst an COVID-19 zu erkranken. Alleine um die Angst nicht weiter zu schüren, erscheint es sinnvoll bei auftretenden Symptomen im Abstrich nicht nur nach SARS-CoV-2, sondern gleichzeitig nach anderen häufigen „Grippeviren“ zu suchen. In eher seltenen Fällen wird die Ursache SARS-CoV-2 sein.

Antworten

Yvonne

4. JANUAR 2021 UM 19:15 UHR

Vielen Dank für die unermüdliche Berichterstattung aller Beteiligten. Ich hoffe, dieser Albtraum hat bald ein Ende…
Gibt es irgendwo Infos, was aus der Stellungnahme der 22 Wissenschaftler und der Eurosurveillance geworden ist? Meine letzte Info ist, dass nochmals geprüft wird und man bis zu einem abschließenden Ergebnis von Kritik absehen soll.

Antworten

Illa

4. JANUAR 2021 UM 19:31 UHR

Der letzte Stand ist "Ende Januar"
https://twitter.com/Bobby_Network/status/1340215586828247041?ref_src=twsrc%5Etfw%7Ctwcamp%5Etweetembed%7Ctwterm%5E1340279652867321856%7Ctwgr%5E%7Ctwcon%5Es3_&ref_url=https%3A%2F%2Fcormandrostenreview.com%2Fend-of-january-2021%2F

Antworten

Yvonne

4. JANUAR 2021 UM 23:43 UHR

Ah, da kann man sich ja Zeit lassen…
Vielen Dank für den Link!

Antworten

gelegentlich

4. JANUAR 2021 UM 19:31 UHR

@Alle
Seit Anfang Mai versuche ich Folgendes herauszufinden: die Standard-Entschuldigung der Drosten-Leute und ihrer unzähligen bezahlten und unbezahlten Internet-Trolle für die ausschließliche Verwendung des E-Gens ist immer: das käme sonst nur bei solchen Corona-Viren vor die nicht den Menschen infizieren könnten. Wenn die Darstellungen stimmen ist der Drosten-Test aber nur in höchster Eile bei 297 Patienten der Charite zwecks Validierung *on the fly* verwendet worden. Für einen eiligen ambulanten Anfang kann man vielleicht damit leben.
Weiß jemand ob irgendjemand unabhängig von den gut vernetzten Drosten-Leuten mal eine Untersuchung über das Vorkommen dieses E-Gens gemacht hat?
(Ich frage hier weil CoV-2 nicht mein Beruf ist)

Antworten

some1

4. JANUAR 2021 UM 19:46 UHR

@gelegentlich
Vielleicht hilft Ihnen das weiter:
https://www.laborjournal.de/rubric/methoden/methoden/v232.php
So wie ich das verstehe, ist das E-Gen für sich genommen vollkommen unspezifisch.

Antworten

B.M.Bürger

4. JANUAR 2021 UM 20:21 UHR

@gelegentlich
vom 1.Dezember 2019
https://www.springermedizin.de/coronavirus-envelope-protein-current-knowledge/16753072
"Coronaviruses (CoVs) primarily cause enzootic infections in birds and mammals but, in the last few decades, have shown to be capable of infecting humans as well. The outbreak of severe acute respiratory syndrome (SARS) in 2003 and, more recently, Middle-East respiratory syndrome (MERS) has demonstrated the lethality of CoVs when they cross the species barrier and infect humans. A renewed interest in coronaviral research has led to the discovery of several novel human CoVs and since then much progress has been made in understanding the CoV life cycle. The CoV envelope (E) protein is a small, integral membrane protein involved in several aspects of the virus' life cycle, such as assembly, budding, envelope formation, and pathogenesis. Recent studies have expanded on its structural motifs and topology, its functions as an ion-channelling viroporin, and its interactions with both other CoV proteins and host cell proteins."
Übersetzung:
1. Corona-Viren kommen vor allem bei Tieren vor, es hat sich aber in den letzten Jahrzehnten erwiesen, dass sie auch Menschen infizieren.
2. Erneutes Interesse an Corona-Viren hat kürzlich
mehrere neue Arten entdeckt
3. Das E-Protein ist in mehreren Aspekten des Lebenszyklus von Coronaviren involviert
"Data shows that E is involved in critical aspects of the viral life cycle and that CoVs lacking E make promising vaccine candidates. "
Übersetzung: E ist involviert in kritischen Aspekten des viralen Lebenszyklus und Corona-Viren ohne E-protein sind vielversprechende Impfkandidaten

↰ **Antworten**

gelegentlich

4. JANUAR 2021 UM 20:31 UHR

Herzlichen Dank! Und siehe da:
„ Kritisch ist das Primer-Set für das E-Gen, das keinen einzigen Mismatch aufweist." Der Satz bezieht sich auf den Drosten-Test. Bevor ich jetzt „Blattschuss!" rufe wäre es hübsch wenn @Illa da mal drauf gucken könnte. – Wo das E-Gen aber bei Corona-Viren vorkommt weiß man damit immer noch nicht.
Meine Jägernase sagt mir dass man mit Absicht, nicht aus Zeitnot, einen möglichst flexibel ausdeutbaren Test machen wollte dessen Ergebnis man, solange man die Kommunikation monopolisieren kann wie das ja tatsächlich der Fall ist, zum tagesaktuellen politischen Finetuning verwenden kann. Das ist aber bisher nur eine Vermutung. – Nach dem Motto: wenn ich höhere Zahlen brauche einfach mehr testen! Wie man das ja auch gemacht hatte. Sozusagen ein „Halb-Fake" mit Performanzkontrolle.
Wie man, hier wirklich OT, beim Aufspüren von Fakes der Medien auch vorgehen kann habe ich hier gezeigt. Zu meiner Überraschung: Trump war oberflächlich und „doof", aber er hat nicht gelogen.

↰ **Antworten**

some1

5. JANUAR 2021 UM 14:03 UHR

@gelegentlich
Dafür müssen Sie vermutlich die CormanDrosten Veröffentlichung auf EuroSurveillance selbst screenen, so lange sie dort noch ist.
Interessant fand ich hingegen diese Aussagen zur treffsicheren Ermittlung einer infektiösen "Infektion" – daran erkennt man das eigentliche Problem noch besser.
"Zusammenfassend waren die Proben nur bis zu einer bestimmten Viruskonzentration (Ct-Wert <24) und höchstens bis zu sieben Tage nach Symptombeginn infektiös. Diese Informationen können über das PCR-Ergebnis der Patienten hinaus herangezogen werden, wenn es darum geht, klinische oder öffentliche gesundheitspolitische Entscheidungen zur Transmissionskontrolle zu treffen."
https://dgn.org/neuronews/journal_club/vorhersage-der-infektiositaet-von-sars-cov-2-bei-positiver-pcr/

↰ **Antworten**

Illa

5. JANUAR 2021 UM 19:51 UHR

Ja, je weniger Mismatches, desto mehr Kreuzreaktionen sind möglich (genaueres weiß ich auch nicht) und der "Drosten-Test" ist insgesamt auf die Generierung von Positiven ausgelegt. Ich glaube auch, dass das aus Absicht geschieht, das sind zu viele Einzelpunke, die alle in dieselbe Richtung weisen. Einer meiner Gedanken dabei ist, dass es nicht wieder dieselben Probleme geben sollte wie bei SARS 2003, als wegen auffallend weniger testpositiver Kranker sogar das Virus als Ursache öffentlich bezweifelt wurde. Andere Gedanken gehen in die Richtung, die Sie beschreiben, es gibt einige Profiteure in Wirtschaft (u.a. wie sollte man sonst eine solche Umverteilung schaffen?) und Politik (u.a. wie würde man uns sonst so gefügig bekommen?).

↰ **Antworten**

Impfprämienberater

4. JANUAR 2021 UM 21:04 UHR

Sehr geehrter Herr aa, vielen Dank für die hervorragende Recherche.

↰ **Antworten**

aa

4. JANUAR 2021 UM 22:02 UHR

@Impfprämienberater: Ich gebe den Dank an die Autorin Illa weiter.

↰ **Antworten**

investigation

4. JANUAR 2021 UM 21:51 UHR

Ich gehe dann mal davon aus das der Test – von den ganzen falsch positiven mal abgesehen – dann auch auf das Humane Coronavirus NL63 anspringt, welches schon seit 2004 bekannt ist und zufälligerweise auch den ACE2-Rezeptor zum eindringen nutzt?

Oder hat das ein anderes E-Gen ?

Kann das zufällig jemand beantworten?

https://de.wikipedia.org/wiki/Humanes_Coronavirus_NL63

↰ **Antworten**

Ingrid

5. JANUAR 2021 UM 3:41 UHR

Warum auch immer. Hr. Land ist offensichtlich in seiner Haut dann doch nicht mehr ganz wohl und sagt doch glatt vor Weinhachten,, die PCR-Test hätten eben eine fals-positive-Rate von 50%. Uppsala, haben sich die beiden nun zerstritten, nachdem der eine eine Abmahnung im Dez. bekommen hat? Die nun ans Gericht gehen wird, weil er den geforderten Schadenersatz nicht bereit ist zu zahlen? Hoopla, das bröckelt schon an vielen Stellen. https://www.nordkurier.de/politik-und-wirtschaft/die-haelfte-aller-corona-positiven-ist-nicht-ansteckend-2241827212.html

Antworten

Aluhut-Brigitte

5. JANUAR 2021 UM 11:34 UHR

https://www.youtube.com/watch?v=E4ylzC3og3U&t=2s&ab_channel=wikihausen schaut mal dieses Video da wird der Aufbau beschrieben…..ähnliches gab es schonmal von anderen die, die Rücknahme von dem Text in Eurosurvalliance fordern.

Antworten

some1

5. JANUAR 2021 UM 15:13 UHR

@Aluhut-Brigitte
Ich habe mir das Video angesehen. Dort wird – neben den mittlerweile bekannten 45 Zyklen, die die "Diagnose" in den Bereich des Kaffeesatzlesens verschieben, vor allem auf die lausige Qualität der Primer beim Drosten-Test eingegangen -und weshalb sie "lausig" sind – ca. ab: Min 23. Das als Empfehlung für Leute mit entsprechendem Background, sich Ihr verlinktes Video anzusehen. Storz&gelegentlich dürften es noch besser verstehen als ich, der es nur in den wesentlichen Grundzügen nachvollziehen, nicht aber aus eigenen Kenntnissen beurteilen kann.

Antworten

Albrecht Storz

5. JANUAR 2021 UM 12:06 UHR

Eines verstehe ich nicht:

in dem "Amplikon" ("50–150 Nukleotide") kann doch stehen, was will. Tatsächlich überprüft wird doch nur der Teilstrang, der zu den Primern passt: also zweimal 18–24 Nukleotide, also 36–48 Nukleotide. Fassen wir das mal als zwei Wörter auf, so prüft man in einem Konglomerat von Milliarden Wörtern (der Probe) das Vorhandensein von zwei "Wörtern" (Nukleoid-Sequenz) in einem "Satz" (Genbruchstück).

Also ein 48-Nukleotid-Wort in einer wilden Mischung von Milliarden "Wörtern" von Millione oder sogar Milliarden Sätzen (in der Probe sind ja von Zellbestandteilen verschiedenster Zellarten über Bakterien, Peptiden, Mizellen, Organellen, Viren alles vorhanden und zwar in aufgebrochener Form (die Probe wird ja wohl vorher aufgeschlossen).

Also erstens mal können doch diese zwei kurzen Wörter einfach zufällig vorkommen (wie die Affen auf den Schreibmaschienen auch zufällig richtige Worte tippen) und was das Amplikon eigetnlich für einen Sinn haben soll, ist mir jetzt erst einmal völlig schleierhaft. Außer, dass man es vielleicht als "pure Masse" braucht weil die Primer für die Vervielfältigung "zu leicht" sind.

Tatsache ist doch wohl: das Amplikon muss überhaupt nicht mit der zu testenden Gensequenz übereinstimmen – nur die Primer-Sequenzen müssen übereinstimmen.

verstehe ich das falsch?

Antworten

Albrecht Storz

5. JANUAR 2021 UM 12:35 UHR

und noch weiter: es wird gesagt, dass das Amplikon 50–150 Nukleotide lang sei. Das kann aber nur für das gesuchte Gen ausgesagt werden. Bei den "gefundenen Gen" ist aber nur eiens gewiss: es können die zwei Primer andocken. In welchem Abstand liegt aber durch nichts fest.

Beispiel: die zwei Worte "Rheimdampfschiffkapitän" und "Broterwerbsmethode" werden sicherlich in nicht ganz vielen, aber doch einigen Texten vorkommen (nicht auf das Internet beschränkt). Beide Worte werden auch zusammen beide in einzelnen Texten vorkommen. Einer davon ist dieser Text hier.

Hier kommen sie im Abstand von 1 Wort bzw. 3 Buchstaben und zwei Leerzeichen vor.

Wenn man nun nach der PCR-Methode Texte auf das Vorkommen dieser Worte ("Primer") prüft, sehe ich nicht, wie man gleichzeitig auch auf den Abstand zwischen diesen beiden Worten prüfen würde: es wird immer die Sequenz "Primer + Amplikon" vervielfältigt, egal was das Amplikon ist, wie lange es ist, wie viele Buchstaben es hat, und welche Buchstaben es hat. Falsch?

Mir geht es ganz einfach dabei um die Frage, welcher Anteil des gesuchten Genoms wirklich geprüft wird. Und ich meine: nur genau die Teile, die mit den beiden Primern identisch sind. Mehr nicht.

Und das ist nun mal nicht viel maximal 48 Nukleotide von 30.000?

In wievielen anderen Gensequenzen werden auch diese 48 Nukleotide in der richtigen Reihenfolge vorkommen? (Und es gibt auch Gensequenzen mit deutlich mehr als 30.000 Nukleotiden!)

Antworten

Illa

5. JANUAR 2021 UM 18:34 UHR

Das verstehe ich auch so und dafür wäre eine Sequenzierung des Amplikons wichtig, was machbar ist und Drosten für wissenschaftliche Veröffentlichungen auch für notwendig hält (Zitat am Schluß). Dann könnte man sehen, ob nicht nur die Primer, sondern auch das Amplikon zum gesuchten Virus paßt – oder eben nicht.

Auch als Größe des Amplikons wird das angegeben, was man sucht. Ob man das gefunden hat, könnte überprüft werden. Aber da sich ja alle so sicher sind mit SARS-CoV-2 …

Bei der Probenahme kommt ja ein Gemisch menschlicher, bakterieller, evtl. mykotischer und viraler DNA und RNA zusammen. Dann wird die DNA entfernt, laut einem Hersteller von PCR-Reagenzien ist Vollständigkeit aber "wahrscheinlich unmöglich". Dann wird die RNA in DNA umgeschrieben, um die PCR durchführen zu können.
Die PCR-Probe wird immer noch ein Sammelsurium menschlicher, bakterieller, evtl. mykotischer und viraler DNA und RNA enthalten und da bei der PCR eine winzige Menge für eine Reaktion ausreicht, muß es keine große Verunreinigung sein.

Da gibt es wohl so dies und das, wozu die Primer passen könnten und was dazwischen passiert, weiß man nicht, solange man es nicht prüft.

Insgesamt sollte man aber die Labore nicht vergessen: Kreuzkontamination zwischen Proben, Kontamination von Laborgeräten, Übertragungskontamination von Amplikons und Primern aus vorherigen PCRs … Unter diesen extremen Bedingungen sind Fehler dort unvermeidlich.

Antworten

Albrecht Storz

5. JANUAR 2021 UM 12:38 UHR

"Wenn diese erkannten Gene sich über das gesamte Virusgenom verteilen, geht man von einem kompletten Virus aus, das die Voraussetzung für Aktivität ist."

Diese Annahme ist doch erkennbar falsch: ein Virus ist mehr als nur sein Genom. Ohne Virushülle zB ist das nix.

Antworten

gelegentlich

5. JANUAR 2021 UM 12:43 UHR

@Albrecht Storz
„Also ein 48-Nukleotid-Wort in einer wilden Mischung von Milliarden "Wörtern" von Millione oder sogar Milliarden Sätze.."
Ja. Nehmen wir an in CoV-2 sei die Phrase „AlbrechtxStorzx" enthalten, und nur in CoV-2, nicht in Corona-sonstwas. Da zuwenige Genabschnitte in der Probe sind müssen die erst vermehrt, amplifiiert werden. Sonst gibt es nicht die erkennbare Farbreaktion wenn die Suchmaschine „„AlbrechtxStorzx" gefunden hat.
Falls aber die Phrase „AlbrechtxStorzx" auch bei anderen Corona-Viren vorkäme würde der Test als CoV-2-Nachweis nichts taugen. Oder falls nur auf die Phrasen „Albrecht" und/oder „Storz" eine Farbreaktion sich ergäbe.
@Ingrid
Was Landt hier meint ist das Problem der nicht kommunizierten Zyklenzahl. Das Problem ob **dieser** wirklich **nur** CoV-2 anzeigt ist ein anderes. Dafür müßte man wirklich systematisch die Verbreitung des E-Gens untersucht **haben**.

Antworten

Albrecht Storz

5. JANUAR 2021 UM 12:59 UHR

An der Stelle habe ich eindeutig zu flappsig formuliert: natürlich wird auf zwei Wörter getestet – aber eben nicht auf das, was dazwischen steht.

Hier im Zusammenhang macht das einen Unterschied von 50–150 Buchstaben aus, also Prüfung auf maximal 48 statt auf maximal fast 200 "Buchstaben".

Antworten

Albrecht Storz

5. JANUAR 2021 UM 12:48 UHR

"Ein Ergebnis ist positiv, wenn mindestens eine der beiden Zielsequenzen des SARS-CoV-2 im Abstrichmaterial nachgewiesen wurde."

Das ist ein völlig dramatischer Schirtt:

aus der UND-Bedinung mache eine ODER-Bedingung. Es ist doch offensichtlich, dass damit die Zahl der "Fälle" sich vervielfachen muss.

Ich ärgere mich ja viel weniger öfter wenn ich sage "Ich ärgere mich, wenn es regnet UND es kalt ist" wie wenn ich sage "Ich ärgere mich wenn es regnet ODER wenn es kalt ist".

Antworten

Schreibe einen Kommentar

Deine E-Mail-Adresse wird nicht veröffentlicht. Erforderliche Felder sind mit * markiert.

Kommentar

Name *

E-Mail *

Website

☐ Meinen Namen, E-Mail und Website in diesem Browser speichern, bis ich wieder kommentiere.

Kommentar abschicken